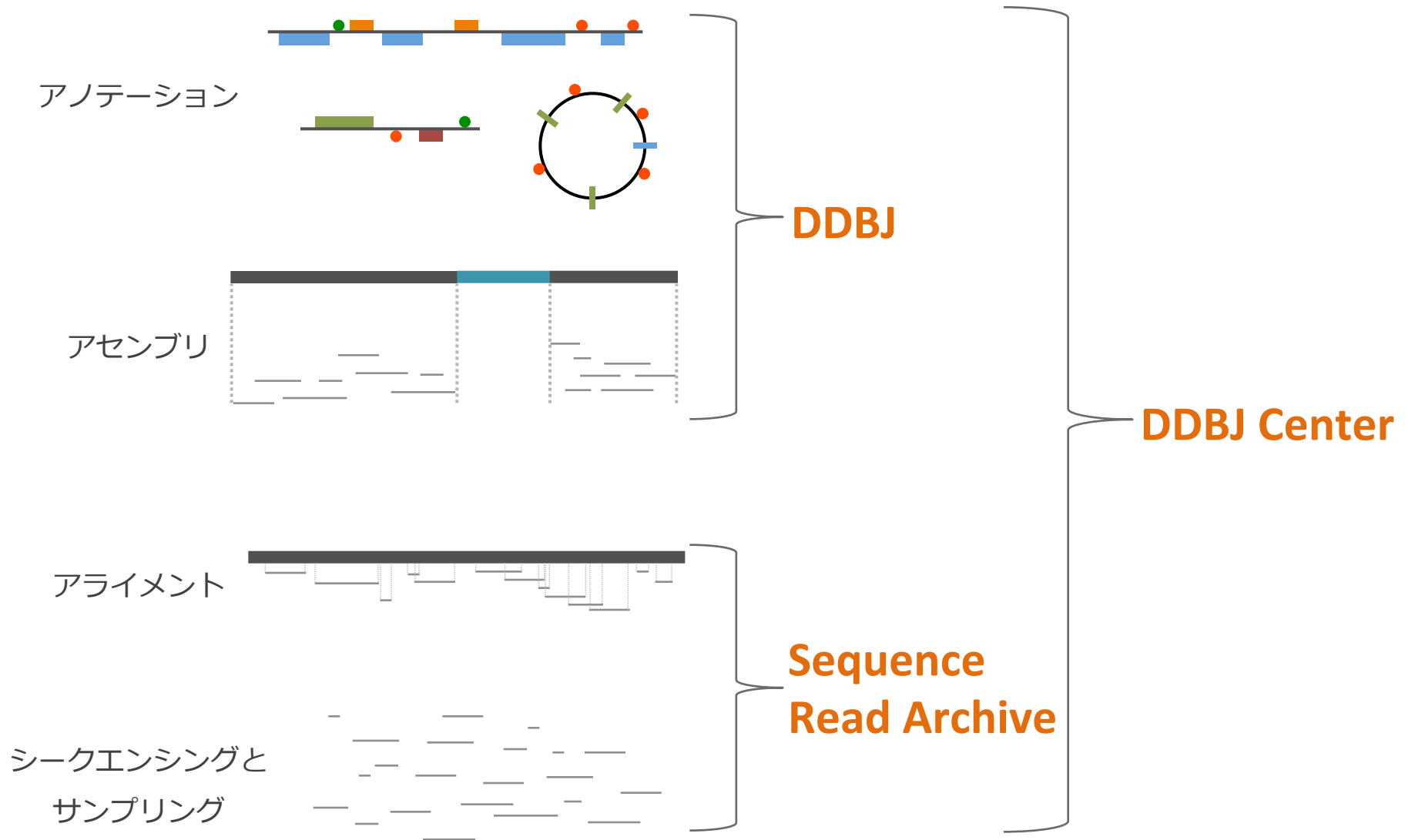
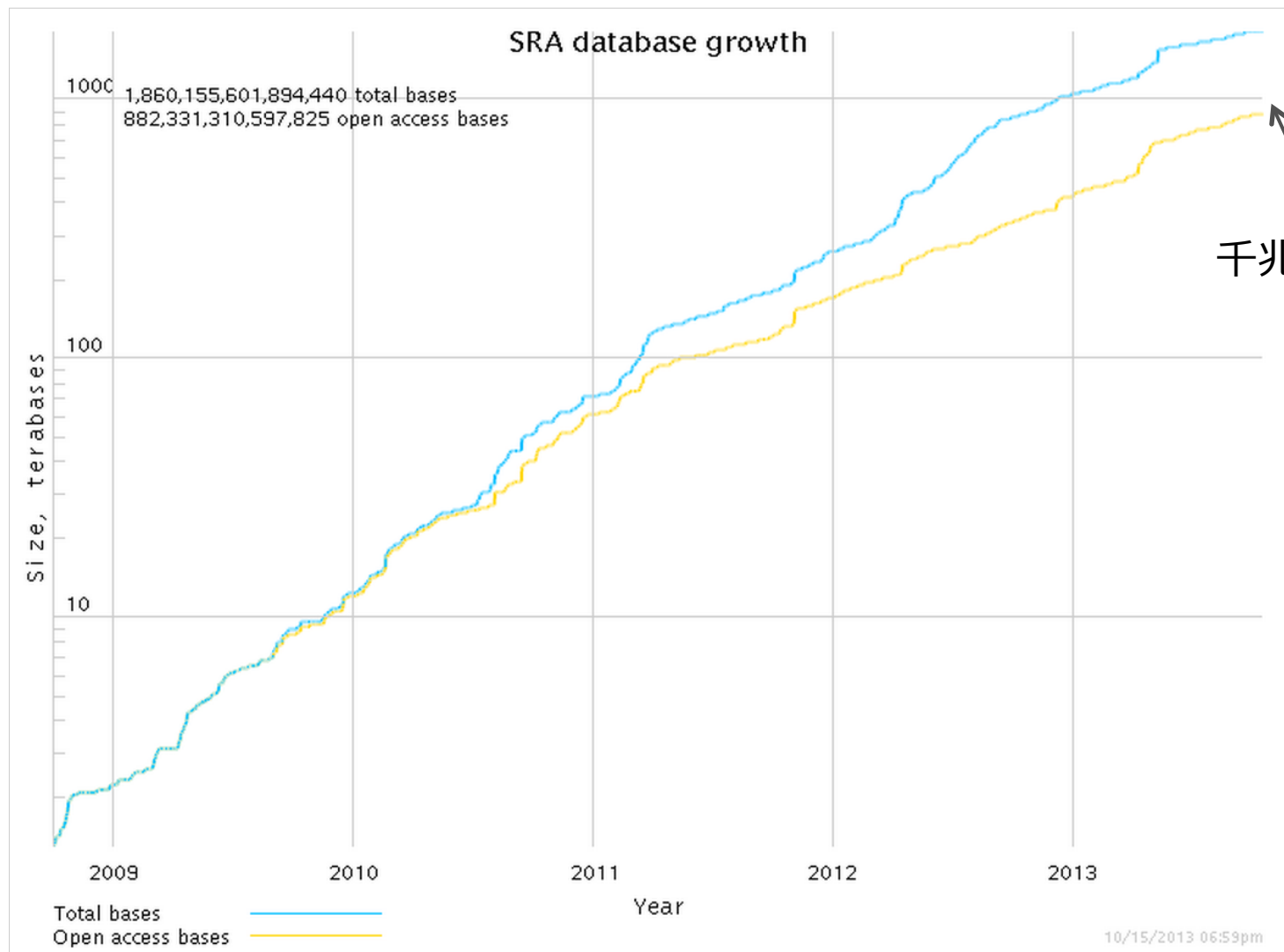


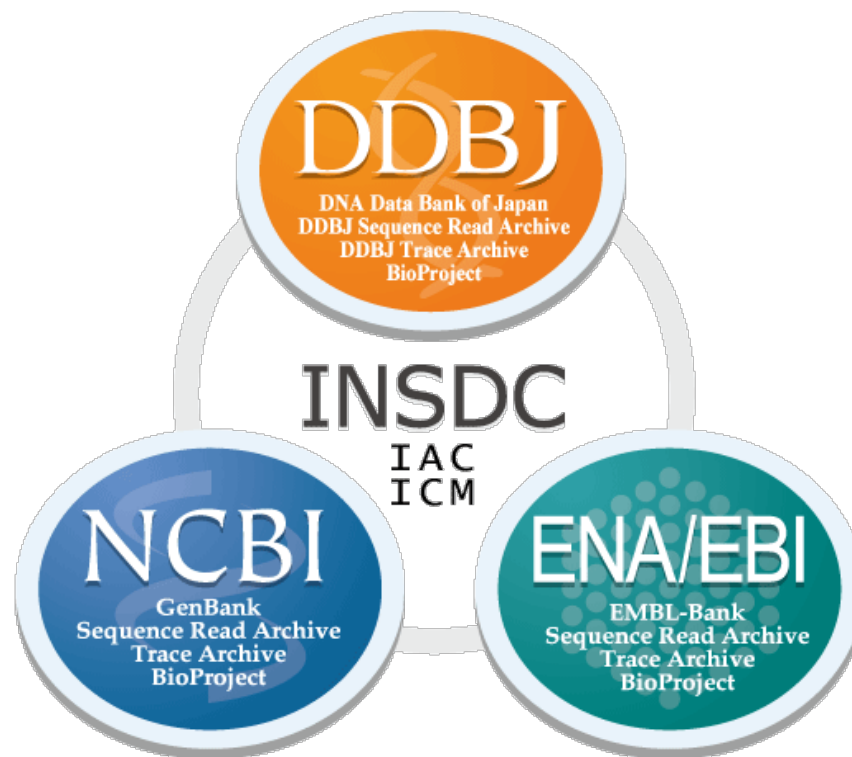
Sequence Read Archive



増大する SRA データ



<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Traces/sra/>



INSDC: International Nucleotide Sequence Database Collaboration

- ✓ 三極で同じデータ形式を使用
- ✓ 三極でアクセッション番号を共有
- ✓ 三極でデータを同期 (するよう努力)
- ✓ SRA: SRA 全体、DRA: DDBJ センターの SRA

<http://www.insdc.org/>

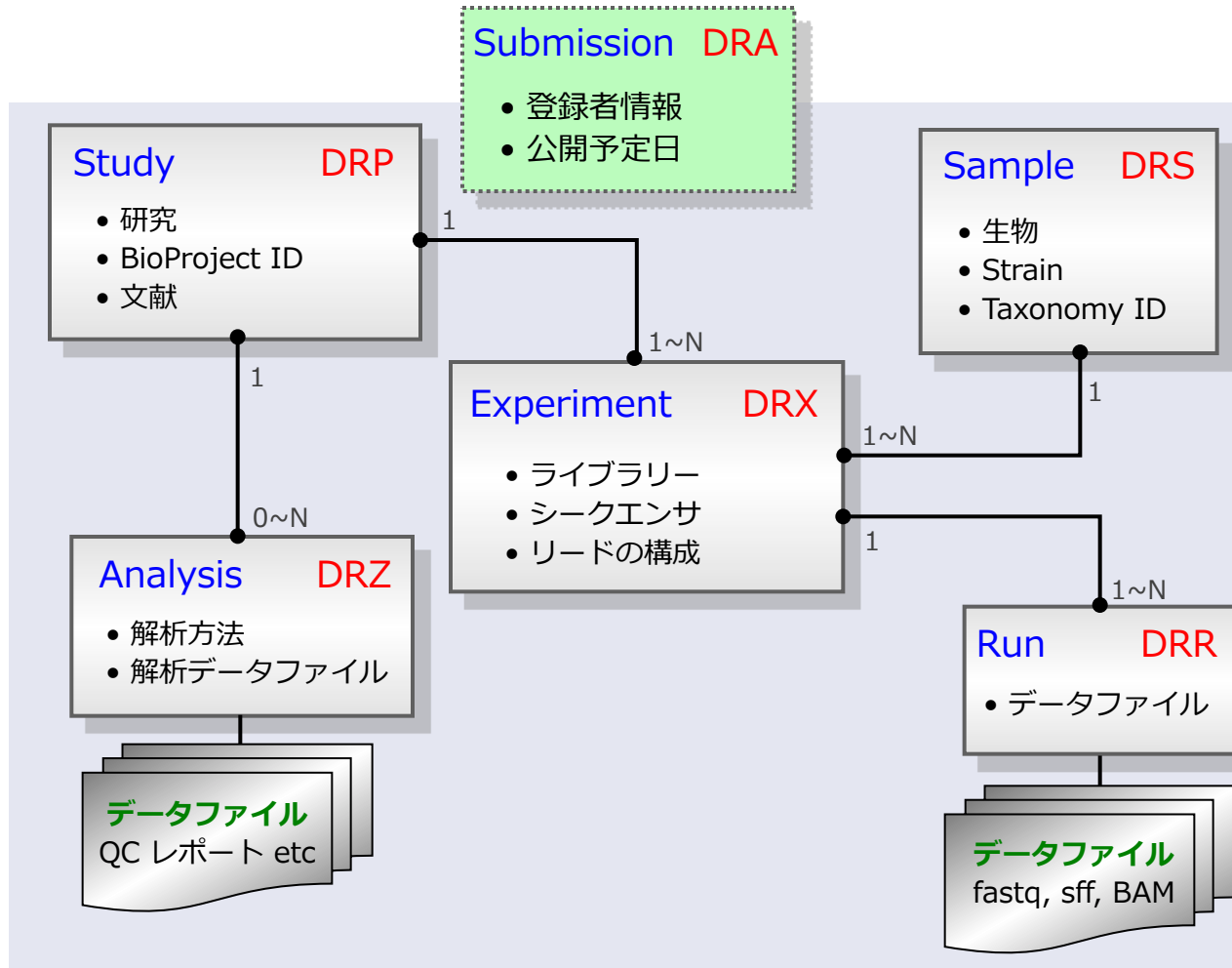
The screenshot shows the DDBJ Sequence Read Archive (DRA) website. At the top left is the DDBJ logo. To the right are links for 'Login & Submit', 'Databases', 'English', and 'Contact'. Below these is a search bar with the text 'Google™ カスタム検索' and a search icon. A navigation menu contains 'Home', 'Submission', 'Search', 'Download', 'Pipeline', 'FAQ', and 'About DRA'. The main content area features a paragraph of Japanese text explaining the DRA database and its international collaborations. Below the text are three large buttons: '検索' (Search) with a magnifying glass icon, '登録' (Registration) with a database icon, and '動画マニュアル' (Video Manual) with a video camera icon. Each button has a brief description in Japanese. At the bottom, there are three columns of links: 'Databases' (Nucleotide Sequence Database, Sequence Read Archive, Trace Archive, Omics Archive, BioProject, BioSample, Japanese Genotype-phenotype Archive), 'Resources' (getentry, ARSA, TXSearch, BLAST, Vector Screening System, ClustalW, Read Annotation Pipeline, MiGAP), and 'DDBJ Information' (DDBJ RSS, DDBJ on Twitter, DDBJ on Youtube, DDBJ Web Magazine, DDBJing, DDBJ FTP Site). The footer contains a Sitemap, FAQ, Site Policy, Privacy, Contact, copyright notice, and a 'Last modified' date.

✓ 「DDBJ SRA」で検索

<http://trace.ddbj.nig.ac.jp/dra/index.html>

「メタデータ」と「シークエンスデータ」

- ✓ メタデータ: シークエンスデータを説明
- ✓ シークエンスデータ: 新世代シーケンサからの配列データ (fastq, sff) とアライメントデータ (BAM)



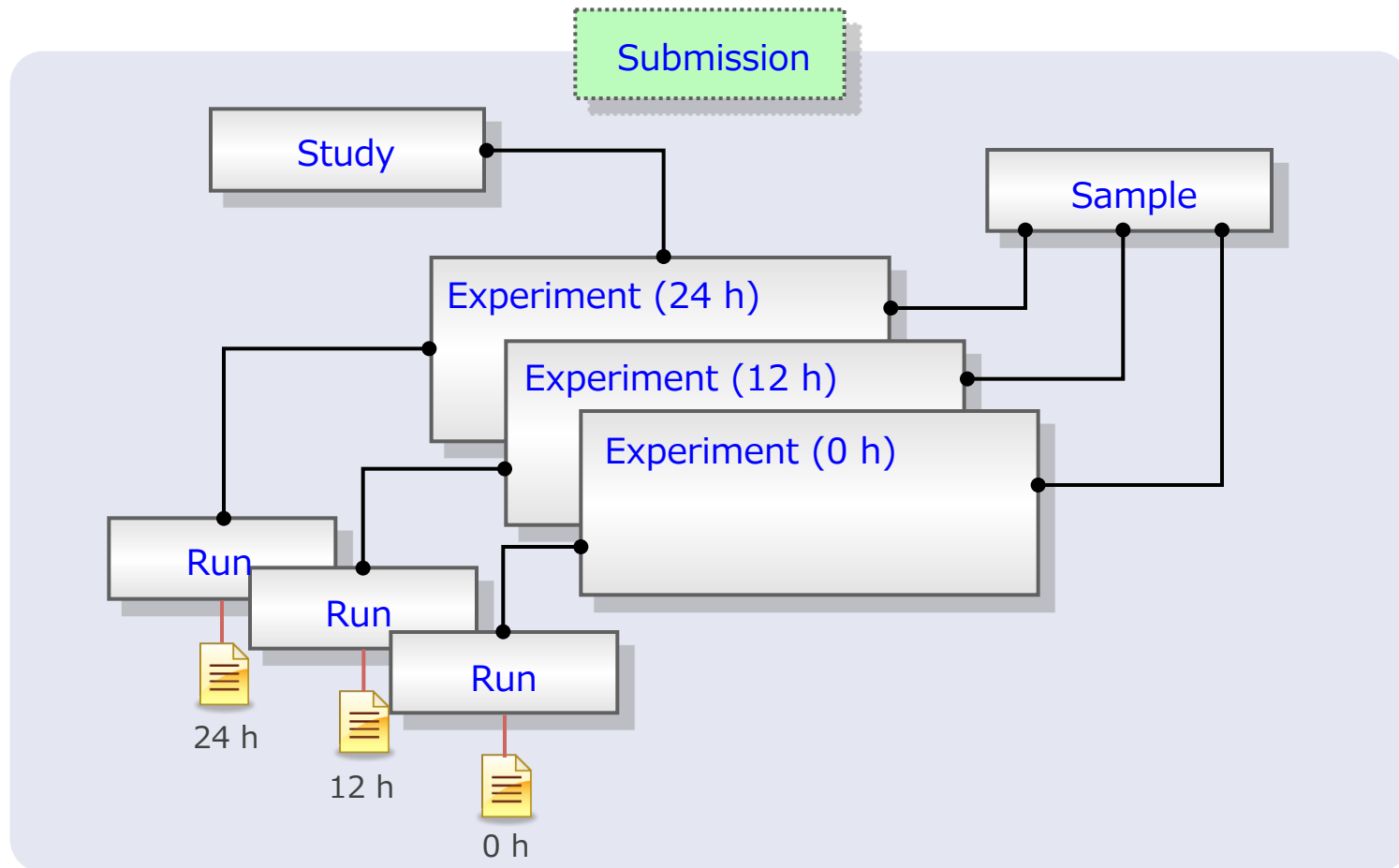
- ✓ メタデータは複数のオブジェクトで構成される
- ✓ アクセッション番号は各オブジェクトに割り振られる

<http://trace.ddbj.nig.ac.jp/dra/metadata.html>

```
<?xml version="1.0" encoding="UTF-8" standalone="yes"?>
<STUDY_SET xmlns:ns2="SRA.annotation">
  <STUDY accession="DRP000001" center_name="KEIO" alias="DRP000001">
    <DESCRIPTOR>
      <STUDY_TITLE>Whole genome sequencing of Baillus subtilis subsp. natto BEST195</STUDY_TITLE>
      <STUDY_TYPE existing_study_type="Whole Genome Sequencing"/>
      <STUDY_ABSTRACT>Whole genome sequencing of Bacillus subtilis subsp. natto
BEST195.</STUDY_ABSTRACT>
      <CENTER_PROJECT_NAME>B. subtilis natto BEST195 draft sequencing</CENTER_PROJECT_NAME>
      <RELATED_STUDIES>
        <RELATED_STUDY>
          <RELATED_LINK>
            <DB>bioproject</DB>
            <ID>PRJDA38027</ID>
            <LABEL>PRJDA38027</LABEL>
          </RELATED_LINK>
          <IS_PRIMARY>true</IS_PRIMARY>
        </RELATED_STUDY>
        <RELATED_STUDY>
          <RELATED_LINK>
            <DB>genomeprj</DB>
            <ID>38027</ID>
            <LABEL>38027</LABEL>
          </RELATED_LINK>
          <IS_PRIMARY>>false</IS_PRIMARY>
        </RELATED_STUDY>
      </RELATED_STUDIES>
      <STUDY_DESCRIPTION>Whole genome sequencing of a natto (fermented soybeans) producing strain of
Bacillus subtilis, BEST195.</STUDY_DESCRIPTION>
    </DESCRIPTOR>
```

⋮

✓ メタデータは機械処理に適した XML ファイル



- ✓ 例：培養細胞を薬剤で処理し転写産物を時系列で解析
- ✓ 後からオブジェクトを追加することができる

Sequence Read Archive

Home | Submission | Search | Download | Pipeline | FAQ | About DRA

DDBJ Sequence Read Archive (DRA) は Roche 454 GS System®, Illumina Genome Analyzer®, Ap...
どの次世代シーケンサからの出力データのためのデータベースです。DRA は International Nucleotide S...
(INSDC) のメンバーであり、NCBI Sequence Read Archive (SRA) と EBI Sequence Read Archive (ER...
ます。従来のキャピラリー式シーケンサからの出力データは DDBJ Trace Archive にご登録ください。

検索
データをキーワード、生物名、シーケンサなどで検索する

登録
新型シーケンサからの生データやアライメントデータを登録する

動画マニュアル
DRA の利用方法や登録方法を解説している動画をみる

Create New Account

Create New Account

Login ID : *

First Name : *

Middle Name :

Last Name : *

Email : *

* required

Continue

Databases
Nucleotide Sequence Database
Sequence Read Archive
Trace Archive
Omics Archive
BioProject
BioSample
Japanese Genotype-phenotype Archive

Resources
getentry
ARSA
TXSearch
BLAST
Vector Screening System
ClustalW
Read Annotation Pipeline
MiGAP

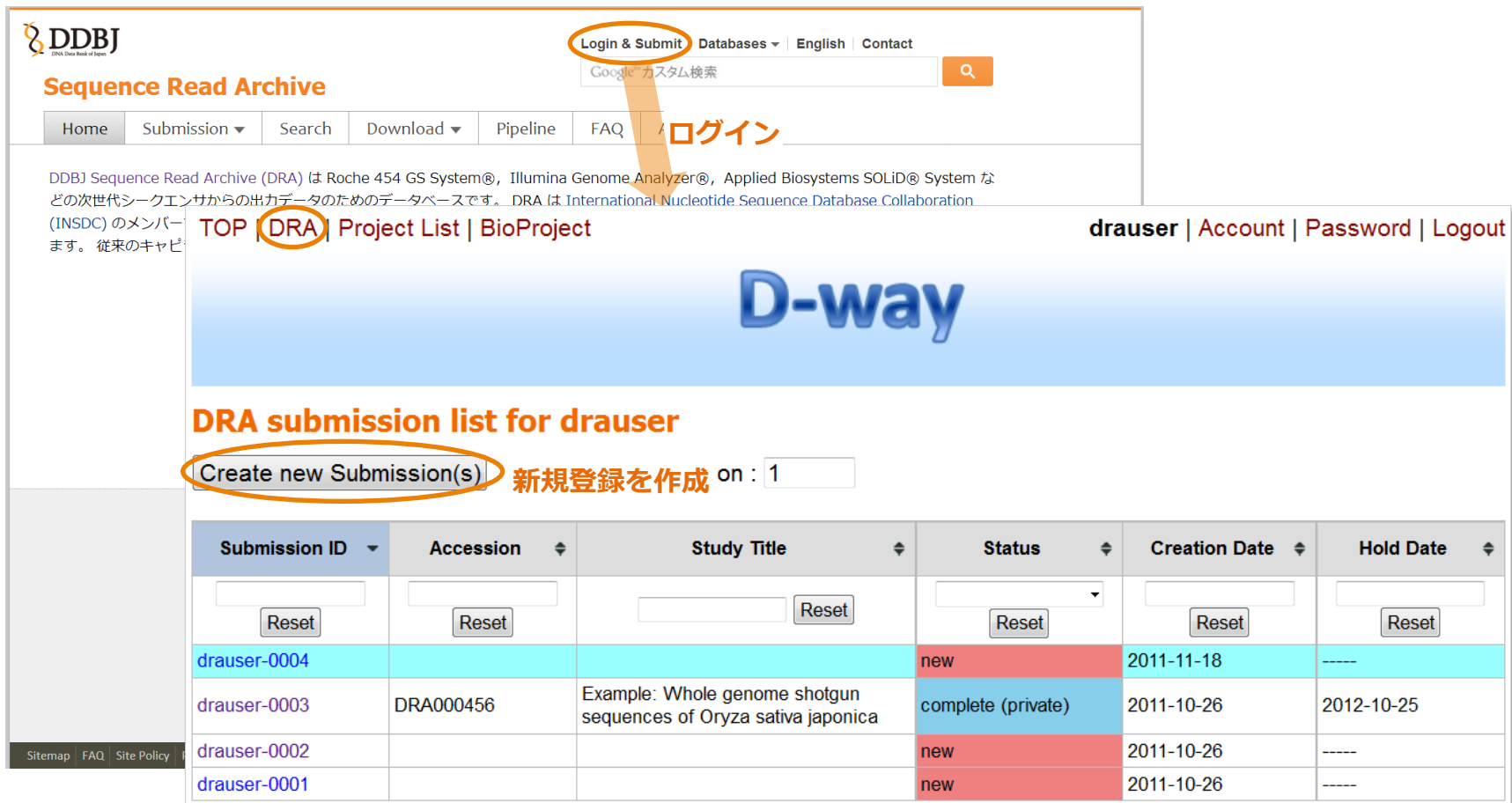
DDBJ Information
DDBJ RSS
DDBJ on Twitter
DDBJ on Youtube
DDBJ Web Magazine
DDBJing
DDBJ FTP Site

Sitemap | FAQ | Site Policy | Privacy | Contact | © DNA Data Bank of Japan | Last modified: 2013-07-09

✓ まずは登録用アカウントを取得

✓ Center name と公開鍵をアカウントに登録し、DRA にデータを投稿

<https://trace.ddbj.nig.ac.jp/D-way/>



The screenshot shows the DDBJ Sequence Read Archive (DRA) website. At the top, there is a navigation bar with 'Login & Submit' circled in orange. Below it, a search bar and a 'ログイン' (Login) button are visible. The main content area features a 'D-way' banner and a section titled 'DRA submission list for drauser'. In this section, 'Create new Submission(s)' is circled in orange, followed by the text '新規登録を作成 on : 1' and a text input field containing '1'. Below this is a table with columns for Submission ID, Accession, Study Title, Status, Creation Date, and Hold Date. The table contains several rows, with the first row highlighted in cyan and having a 'Reset' button below it. The second row has a cyan background and contains the example data: drauser-0003, DRA000456, Example: Whole genome shotgun sequences of Oryza sativa japonica, complete (private), 2011-10-26, 2012-10-25. The third and fourth rows have red backgrounds and contain 'new' status entries.

Sequence Read Archive

Home Submission Search Download Pipeline FAQ ログイン

DDBJ Sequence Read Archive (DRA) は Roche 454 GS System®, Illumina Genome Analyzer®, Applied Biosystems SOLiD® System などの次世代シーケンサからの出力データのためのデータベースです。DRA は International Nucleotide Sequence Database Collaboration (INSDC) のメンバーです。従来のキャビ

TOP **(DRA)** Project List | BioProject

drauser | Account | Password | Logout

D-way

DRA submission list for drauser

Create new Submission(s) 新規登録を作成 on : 1

Submission ID	Accession	Study Title	Status	Creation Date	Hold Date
<input type="text"/> Reset	<input type="text"/> Reset	<input type="text"/> Reset	<input type="text"/> Reset	<input type="text"/> Reset	<input type="text"/> Reset
drauser-0004			new	2011-11-18	----
drauser-0003	DRA000456	Example: Whole genome shotgun sequences of Oryza sativa japonica	complete (private)	2011-10-26	2012-10-25
drauser-0002			new	2011-10-26	----
drauser-0001			new	2011-10-26	----

Sitemap FAQ Site Policy

✓ 登録アカウントにログインし、DRA 新規登録を作成

Submission ID : drauser-0004

Submission ID	Accession #	Study Title	Status	Creation Date	Hold Date
drauser-0004			new	2011-11-18	----

Submit / Update Metadata
* Adobe Flash Player is required

メタデータ作成ツールを起動

None

Date Files [-]
None

Validate data files Stop validation
* Stop validation to edit metadata or upload data files

Validation Result [-]
None

History [-]

Date
2011-11-18 13:19:45

Submission ID : dradev-0013

Save All Load All Validate All Submit Clear Error Messages

Submission Study Sample Experiment Run Analysis (optional) Relation

Save XML Load XML Validate

オブジェクトに対応したタブ

Submission

Submission

Title* : Submission title.

Submission Comment :

Center Name* : KYOTO-GE

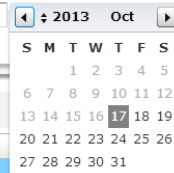
Laboratory Name* : DRA Developers, CIB-DDBJ, National Institute of Genetics

Hold / Release* : Hold Until 2013 Oct Immediate Release

Contact

#	Name*	E-mail*
1	Mishima Hanako	

New Copy Delete



- ✓ メタデータを入力、チェック (Validate) した後、投稿 (Submit)
- ✓ タブ区切りテキストファイルで入出力する新規登録ツールを開発中

データファイルのアップロード 1

Submission ID : drauser-0004

Submission ID	Accession #	Study Title	Status	Creation Date	Hold Date
drauser-0004		Study title	meta_validated	2011-11-18	2011-11-19

Submit / Update Metadata

* Adobe Flash Player is required

Component [-]

Object	Accession #	Center Name	Alias
submission		DDBJ	drauser-0004_Submission
+ study		DDBJ	drauser-0004_Study_0001
+ sample		DDBJ	drauser-0004_Sample_0001
+ experiment		DDBJ	drauser-0004_Experiment_0001
+ run		DDBJ	drauser-0004_Run_0001

Date Files [-]

File Name	Metadata	Uploaded
data1.sff	yes (5f04eaf97e8407adbfc24088767230aa)	no
data2.sff	yes (f16da24e0d07552f53a1bc8cf4b842f7)	no

Validate data files

Stop validation

* Stop validation to edit metadata or upload data files

✓ Run で指定したデータファイルをサーバに SCP でアップロード

データファイル: <http://trace.ddbj.nig.ac.jp/dra/datafile.html>

データファイルのアップロード 2

Submission ID : drauser-0004

Submission ID	Accession #	Study Title	Status	Creation Date	Hold Date
drauser-0004		Study title	meta_validated	2011-11-18	2011-11-19

Submit / Update Metadata

* Adobe Flash Player is required

Component [-]

Object	Accession #	Center Name	Alias
submission		DDBJ	drauser-0004_Submission
+ study		DDBJ	drauser-0004_Study_0001
+ sample		DDBJ	drauser-0004_Sample_0001
+ experiment		DDBJ	drauser-0004_Experiment_0001
+ run		DDBJ	drauser-0004_Run_0001

Date Files [-]

File Name	Metadata	Uploaded
data1.sff	yes (5f04eaf97e8407adbfc24088767230aa)	yes
data2.sff	yes (f16da24e0d07552f53a1bc8cf4b842f7)	yes

Validate data files

Stop validation

* Stop validation to edit metadata or upload data files

✓ Validate data files でデータファイルの形式、メタデータとの整合性などを検証

Submission ID : drauser-0004

Submission ID	Accession #	Study Title	Status	Creation Date	Hold Date
drauser-0004	DRA000458	Study title	acc_issued	2011-11-18	2011-12-19 <input type="button" value="Change"/>

* Adobe Flash Player is required

Component [-]

Object	Accession #	Center Name	Alias
submission	DRA000458	DDBJ	drauser-0004_Submission
+ study	DRP000467	DDBJ	drauser-0004_Study_0001
+ sample	DRS001014	DDBJ	drauser-0004_Sample_0001
+ experiment	DRX001004	DDBJ	drauser-0004_Experiment_0001
+ run	DRR001450	DDBJ	drauser-0004_Run_0001

Date Files [-]

File Name	Metadata	Uploaded
data1.sff	yes (5f04eaf97e8407adbfc24088767230aa)	yes
data2.sff	yes (f16da24e0d07552f53a1bc8cf4b842f7)	yes

- ✓ メタデータとデータファイルが揃った登録が査定される
- ✓ 不備のない登録に対してアクセッション番号が発行される

Submission ID : drauser-0004

Submission ID	Accession #	Study Title	Status	Creation Date	Hold Date
drauser-0004	DRA000458	Study title	acc_issued	2011-11-18	2011-12-19 <input type="button" value="Change"/>

メタデータの更新

公開予定日の延長

* Adobe Flash Player is required

Component [-]

Object	Accession #	Center Name	Alias
submission	DRA000458	DDBJ	drauser-0004_Submission
+ study	DRP000467	DDBJ	drauser-0004_Study_0001
+ sample	DRS001014	DDBJ	drauser-0004_Sample_0001
+ experiment	DRX001004	DDBJ	drauser-0004_Experiment_0001
+ run	DRR001450	DDBJ	drauser-0004_Run_0001

- ✓ アカウントから直接メタデータを更新
- ✓ 論文情報 (pubmed id) の Study への追加をお忘れなく！
- ✓ 配列は Run を再登録することで更新

Sequence Read Archive

Home | Submission | **Search** | Download | Pipeline | FAQ | About DRA

DDBJ Sequence Read Archive (DRA) は Roche 454 GS System, Illumina Genome Analyzer, Applied Biosystems SOLiD, System 8 の次世代シーケンサからの出力データの (INSDC) のメンバーであり、NCBI Sequence Read Archive (SRA) のメンバーでもあります。従来のキャピラリー式シーケンサから

DRA Search

Accession :

Organism : StudyType :

CenterName : Platform :

Keyword :

DRR000001 FTP

Submission Detail		Navigation	
Alias	DRA000001	Study	DRP000001
Submission ID		Experiment	DRX000001 FASTQ SRALite
Submission Date	2009-05-14	Sample	DRS000001
Center Name	KEIO	Run	DRR000001 FASTQ SRALite
Lab Name	Bioinformatics Lab.		

名前	サイズ	更新日
[親ディレクトリ]		
DRR000001.fastq.bz2	1.3 MB	12/11/30 0:00:00
DRR000001_1.fastq.bz2	381 MB	12/11/30 0:00:00
DRR000001_2.fastq.bz2	404 MB	12/11/30 0:00:00

- ✓ 検索できるようになる
- ✓ データファイルは fastq と SRA 形式で ftp 提供
- ✓ EBI/NCBI にミラーされる

<http://trace.ddbj.nig.ac.jp/DRAsearch/>

Sequence Read Archive

Home Submission Search Download

Submission
Metadata
Data File
Example
Manual
Video Tutorial
Login & Submit

登録の例

検索

動画マニュアル

登録に必要な「メタデータ」と「配列データファイル」について説明しています。

Experiment (Spot, Platform)

454 single reads

リード

Read composition

Read Index: 0 1

Read: TCAG ATAGAGTTGATCCTGGCTCAT.....

Base Coordinate: 1 5 80

Read Type: Adapter Forward

メタデータ

Read Index	Read Class	Read Type	Ordering Method
0	Technical Read	Adapter	BaseCoord = 1
1	Application Read	Forward	BaseCoord = 5

Platform

Platform	Instrument Model
LS454	454 GS FLX Titanium

Sample

サンプル

Title: Col-NIG

Scientific name: Arabidopsis thaliana
Taxonomy ID: 3702

Description: One of the reference wild type derived from Col-0.

生物分類

詳細な記述

DRA への登録 ~必要なデータ~

登録に必要な「メタデータ」と「配列データファイル」について説明しています。

DDBJ Youtube チャンネル: <http://www.youtube.com/user/DDBJvideo>

BioProject

DDBJ DNA Data Bank of Japan

Login & Submit | Databases ▾ | English | Contact

Google[™] カスタム検索

Home | Submission ▾ | Search | Download | About BioProject

BioProject は研究プロジェクトとプロジェクトに由来するデータをまとめるためのデータベースです。INSDC が運営するデータベースに登録されたデータが BioProject ID を引用することで、データがプロジェクト単位でグループ化されます。BioProject はゲノム配列決定プロジェクトを管理していた NCBI Genome Project を拡張し、再設計したものです。

DDBJ BioProject は登録されたプロジェクトに対してプレフィックス 'PRJ#' のアクセッション番号を発行しています。公開されたプロジェクトデータは EBI/NCBI と共有されます。

登録
プロジェクトを登録する

動画マニュアル
BioProject を解説している動画をみる

メタデータ
BioProject メタデータの構造、内容や例をみる

Databases
Nucleotide Sequence Database
Sequence Read Archive
Trace Archive
Omics Archive
BioProject
BioSample
Japanese Genotype-phenotype Archive

Resources
getentry
ARSA
TXSearch
BLAST
Vector Screening System
ClustalW
Read Annotation Pipeline
MIGAP

DDBJ Information
DDBJ RSS
DDBJ on Twitter
DDBJ on Youtube
DDBJ Web Magazine
DDBJing
DDBJ FTP Site

Sitemap | FAQ | Site Policy | Privacy | Contact | © DNA Data Bank of Japan | Last modified: 2013-01-22

✓ 「DDBJ BioProject」で検索

<http://trace.ddbj.nig.ac.jp/bioproject/index.html>

プロジェクト番号でまとめる 1

アノテーション



```
LOCUS   AP011541       4091591 bp  DNA   linear  HTG 01-SEP-2010
DEFINITION  Bacillus subtilis subsp. natto BEST195 DNA, nearly complete genome.
ACCESSION  AP011541
VERSION   AP011541.1
DBLINK    BioProject:PRJDA38027
          Sequence Read Archive:DRR000001
```

DDBJ

シーケンシングと
サンプリング



BioProject

Study Detail	
Title	Whole genome sequencing of <i>Bacillus subtilis</i> subsp. natto BEST195
Study Type	Whole Genome Sequencing
Abstract	Whole genome sequencing of <i>Bacillus subtilis</i> subsp. natto BEST195.
Description	Whole genome sequencing of a natto (fermented soybeans) producing strain of <i>Bacillus subtilis</i> , BEST195.
Center Name	KEIO (Keio University)
DDBJ Entry	
Accession Number	AP011541-AP011542
Related Study	
bioproject	PRJDA38027

SRA

✓ 同じプロジェクト番号を引用することでデータベースを横断してまとめられる

プロジェクト番号でまとめる 2

Bacillus subtilis subsp. natto BEST195 Accession: PRJDA38027 ID: 38027
Bacillus subtilis subsp. natto BEST195 genome sequencing project

プロジェクト概要 → *Bacillus subtilis subsp. natto BEST195* i>Bacillus subtilis subsp. *natto* BEST195 was isolated from fermented soybeans and will be used for comparative genome analysis.

ゲノム配列 →
SRA データ →

Pubmed 論文情報 →

See Genome Information for Bacillus subtilis

NAVIGATE ACROSS
168 additional projects are related by organism.

Project Data Type: Genome sequencing; **Locus Tag Prefix:** BSNT
Attributes: Scope: Monoisolate; Material: Genome; Capture: Whole; Method type: Sequencing
Project Data:

Resource Name	Number of Links
SEQUENCE DATA	
Nucleotide (Genomic DNA)	2
SRA Experiments	1
Protein Sequences	4381
PUBLICATIONS	
PubMed	1
PMC	1
OTHER DATASETS	
BioSample	1
Assembly	1

▼ Assembly details:

Assembly	Level	Taxid
GCA_000209795.1	Chromosome with gaps	645657

▼ SRA Data Details

Parameter	Value
Data volume, Gbases	1
Data volume, Mbytes	1792

Related RefSeq Project
PRJNA183001 : Bacillus subtilis subsp. natto BEST195

Publications:
1. Nishito Y *et al.*, "Whole genome assembly of a natto production strain Bacillus subtilis natto from very short read data.", *BMC Genomics*, 2010 Apr 16;11:243

Lineage: Bacteria; Firmicutes; Bacilli; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus subtilis; Bacillus subtilis subsp. natto BEST195 [Taxonomy ID: 645657]

Submission:
Registration date: 24-Mar-2010
Keio University

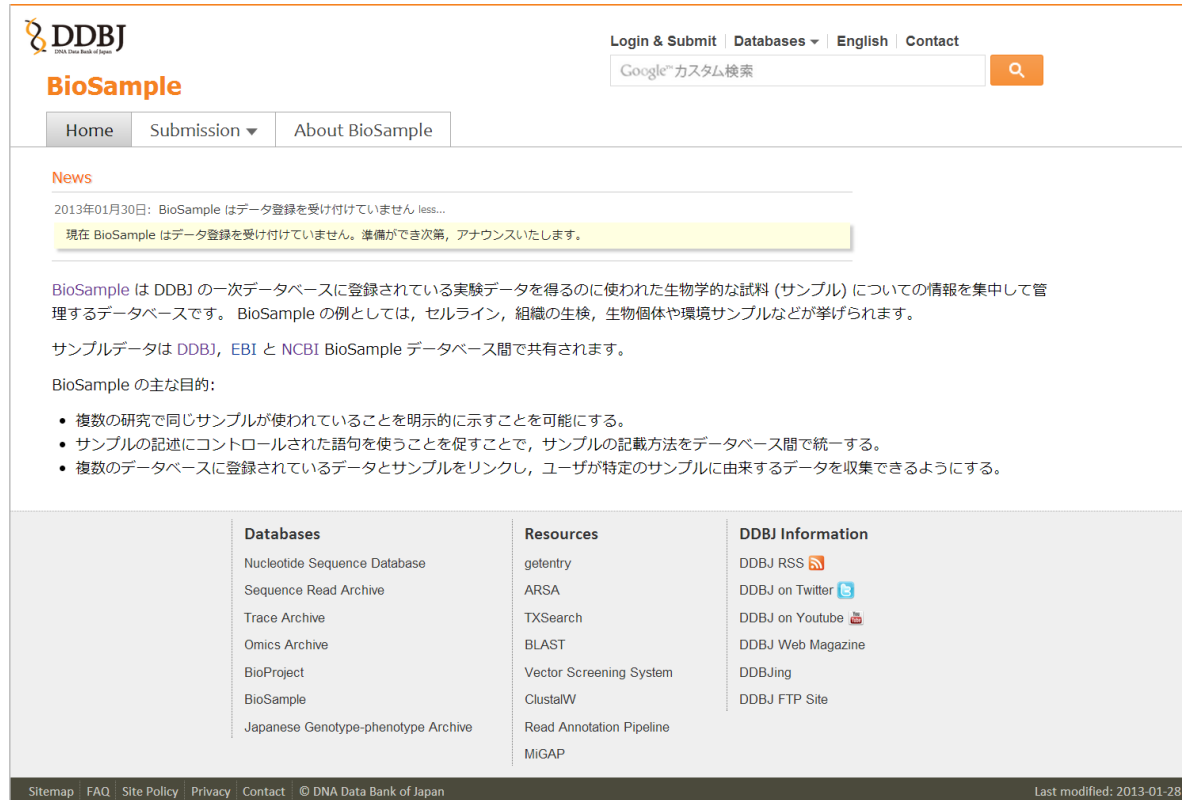
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/bioproject/PRJDA38027>

The screenshot shows the DDBJ Sequence Read Archive (DRA) website. The top navigation bar includes 'Login & Submit', 'Databases', 'English', and 'Contact'. A search bar with 'Google カスタム検索' and a 'ログイン' button is present. Below the navigation, there are tabs for 'Home', 'Submission', 'Search', 'Download', 'Pipeline', 'FAQ', and 'About DRA'. The main content area features a description of DRA and three icons: '検索' (Search), '登録' (Registration), and '動画マニュアル' (Video Manual). On the right, a 'BioProject' submission form is displayed, showing the 'BioProject' link in the navigation bar, the 'BioProject Temporary Submission ID: PSUB000021', and various form fields for project data type, sample scope, methodology, and objective. A 'Continue' button is at the bottom of the form.

- ✓ プロジェクト (目的・研究費・生物など) をアカウントから登録
- ✓ プロジェクト番号を INSDC で共有
- ✓ ゲノム登録ではプロジェクトが必須
- ✓ プロジェクトのプロジェクト (Umbrella project) が利用できる

BioSample

サンプル情報は BioSample に集約



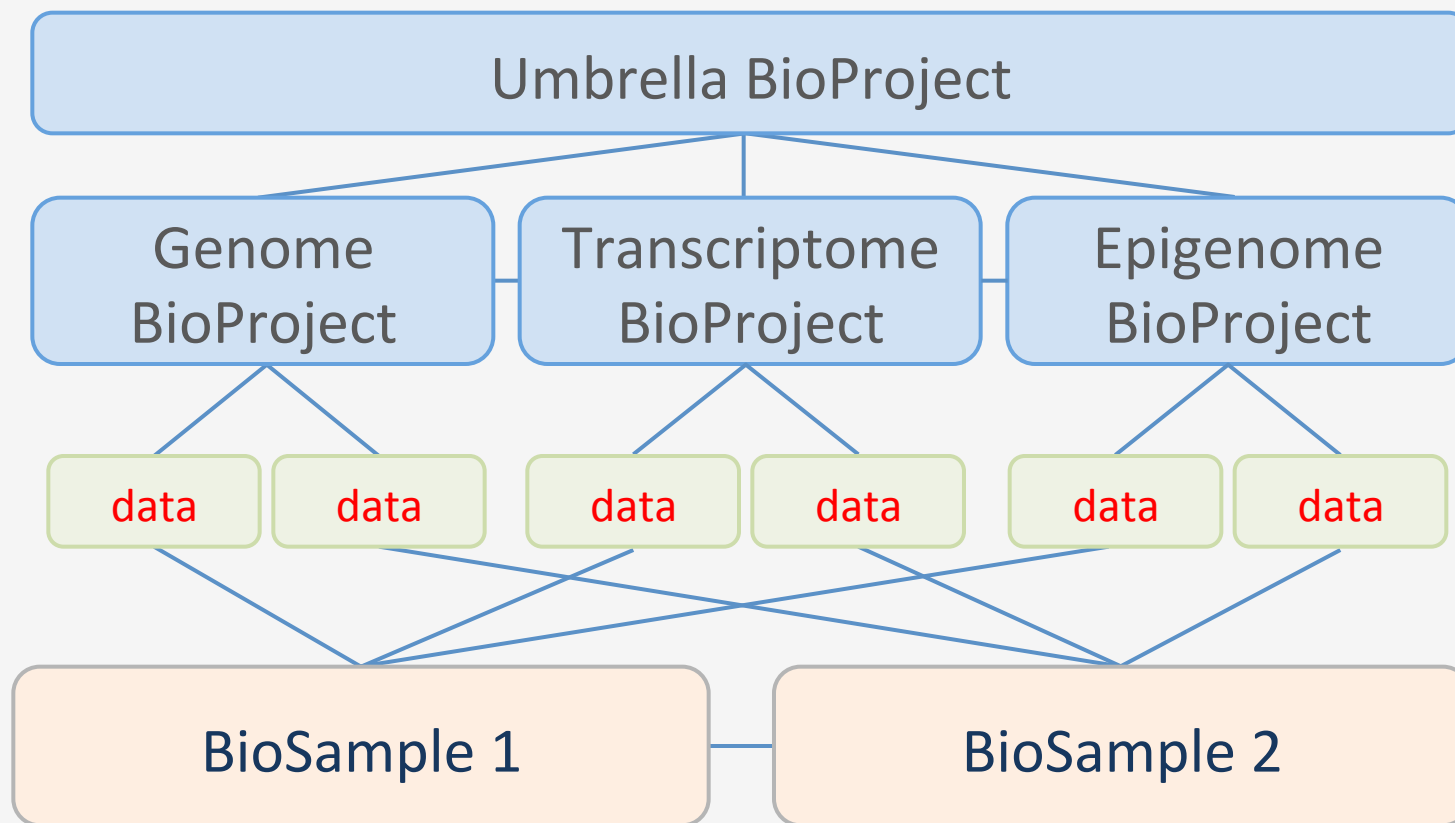
The screenshot shows the DDBJ BioSample website interface. At the top left is the DDBJ logo. To the right are links for 'Login & Submit', 'Databases', 'English', and 'Contact'. Below these is a search bar with the text 'Google™カスタム検索' and a search button. A navigation menu includes 'Home', 'Submission', and 'About BioSample'. The main content area features a 'News' section with a date '2013年01月30日' and a message: 'BioSample はデータ登録を受け付けていません... less...' and '現在 BioSample はデータ登録を受け付けていません。準備ができ次第、アナウンスいたします。'. Below this is a paragraph explaining that BioSample is a primary database for experimental data and provides information on sample management, with examples like cell lines and tissue samples. It also states that sample data is shared with DDBJ, EBI, and NCBI BioSample. A section titled 'BioSample の主な目的:' lists three bullet points: 1) Making it possible to show that the same sample is used in multiple studies. 2) Encouraging the use of controlled terms in sample descriptions to standardize recording methods across databases. 3) Linking data and samples across databases to allow data collection from specific samples.

Databases	Resources	DDBJ Information
Nucleotide Sequence Database	getentry	DDBJ RSS
Sequence Read Archive	ARSA	DDBJ on Twitter
Trace Archive	TXSearch	DDBJ on Youtube
Omics Archive	BLAST	DDBJ Web Magazine
BioProject	Vector Screening System	DDBJing
BioSample	ClustalW	DDBJ FTP Site
Japanese Genotype-phenotype Archive	Read Annotation Pipeline	
	MiGAP	

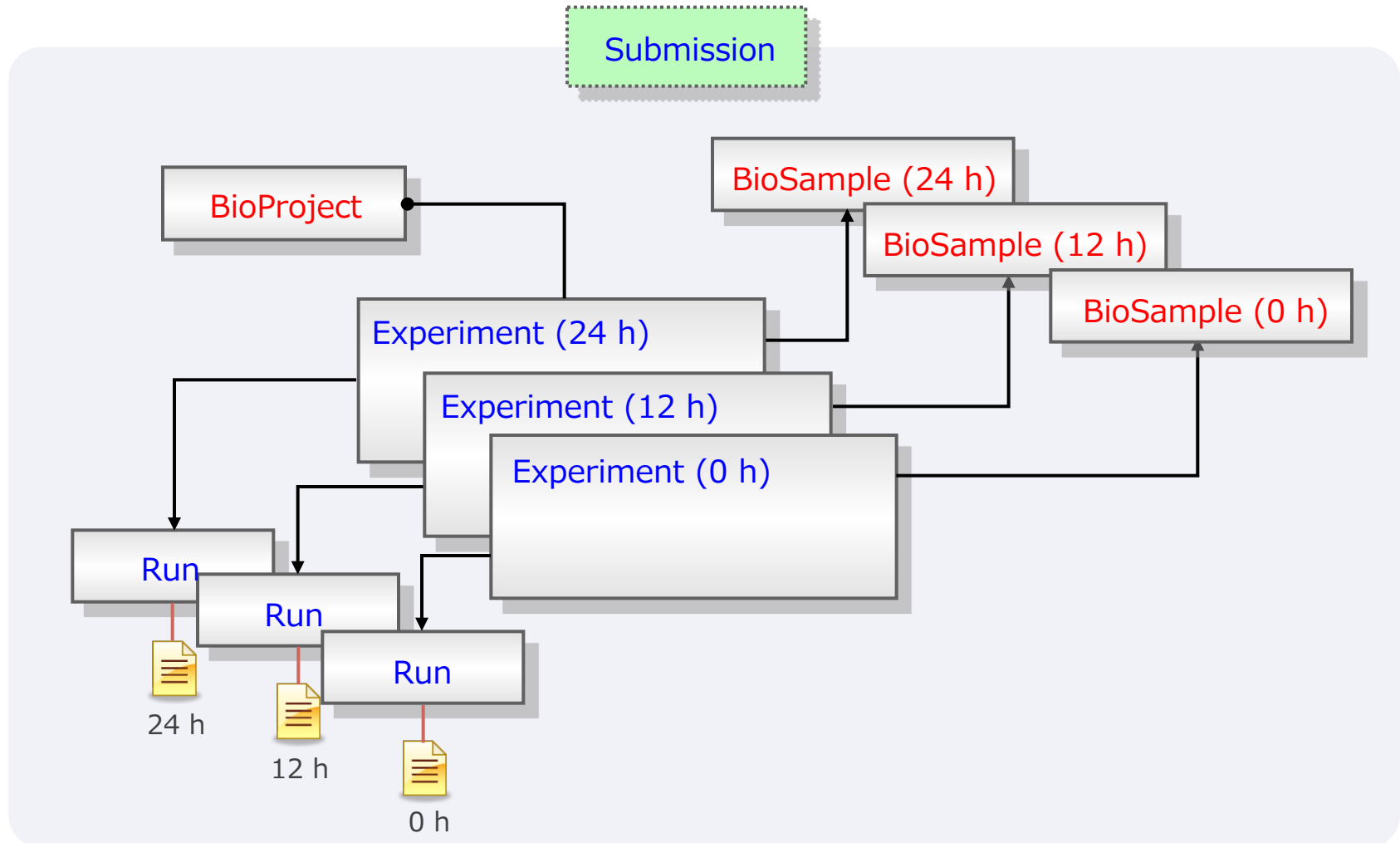
At the bottom of the page, there is a footer with links for 'Sitemap', 'FAQ', 'Site Policy', 'Privacy', 'Contact', and '© DNA Data Bank of Japan'. On the right side of the footer, it says 'Last modified: 2013-01-28'.

- ✓ BioSample を始めることで INSDC メンバー間で合意
- ✓ DDBJ は 2013 年度内に開始予定

<http://trace.ddbj.nig.ac.jp/biosample/index.html>



✓ プロジェクトとサンプルという切り口でデータを組織化



- ✓ SRA Study を BioProject、Sample を BioSample に移行予定
- ✓ Taxonomy: 生物 (*Homo sapiens*, 9606)、BioSample: サンプル

MIMS.me		
Name	Description	Value format
biome	Major class of ecologically similar communities of plants, animals, and other organisms (eg., desert, coral reef)	{term}
collection_date	Time of sampling (single instance or interval, eg., 2008-01-23T19:23:10, 2008-01-23, 2008-01, 2008)	{timestamp}
env_package	MIGS/MIMS/MIENS extension for reporting of measurements and observations obtained from one or more of the environments where the sample was obtained. All environmental packages listed here are further defined in separate subtables. By giving the name of the environmental package, a selection of fields can be made from the subtables and can be reported	["', 'air', 'host-associated', 'human-associated', 'human-skin', 'human-oral', 'human-gut', 'human-vaginal', 'microbial', 'miscellaneous', 'plant-associated', 'sediment', 'soil', 'wastewater', 'water']
experimental_factor	Variable aspect of experimental design	{term text}
feature	Geographical environmental feature (eg., harbor, lake)	{term}
geo_loc_name	Geographical origin of the sample	{term}::{term}::{text}
investigation_type	Nucleic Acid Sequence Report is the root element of all MIGS/MIMS compliant reports as standardized by Genomic Standards Consortium. This field is either eukaryote, bacteria, virus, plasmid, organelle, metagenome, miens-survey or miens-culture	["', 'eukaryote', 'bacteria_archaea', 'plasmid', 'virus', 'organelle', 'metagenome', 'miens-survey', 'miens-culture']
lat_lon	Report values in decimal degrees and in WGS84 system	{float} {float}
material	Matter displaced by the sample (eg., air, soil, water)	{term}
project_name	A concise name that describes the overall project, for example ""Analysis of sequences collected from Antarctic soil""	{text}
ref_biomaterial	Primary publication or genome report	{PMID DOI URL}
rel_to_oxygen	Aerobic or anaerobic	["', 'aerobe', 'anaerobe', 'facultative', 'microaerophilic', 'microanaerobe', 'obligate aerobe', 'obligate anaerobe']
samp_collect_device	Method or device employed for collecting sample	{text}

- ✓ タブ区切りテキストファイルにサンプル属性を入力し、アカウントから投稿
- ✓ Genomic Standards Consortium (GSC) M_IxS に準拠

GSC M_IxS: <http://gensc.org/index.php?title=MxS>

サンプル属性: <http://trace.ddbj.nig.ac.jp/biosample/attribute.html>

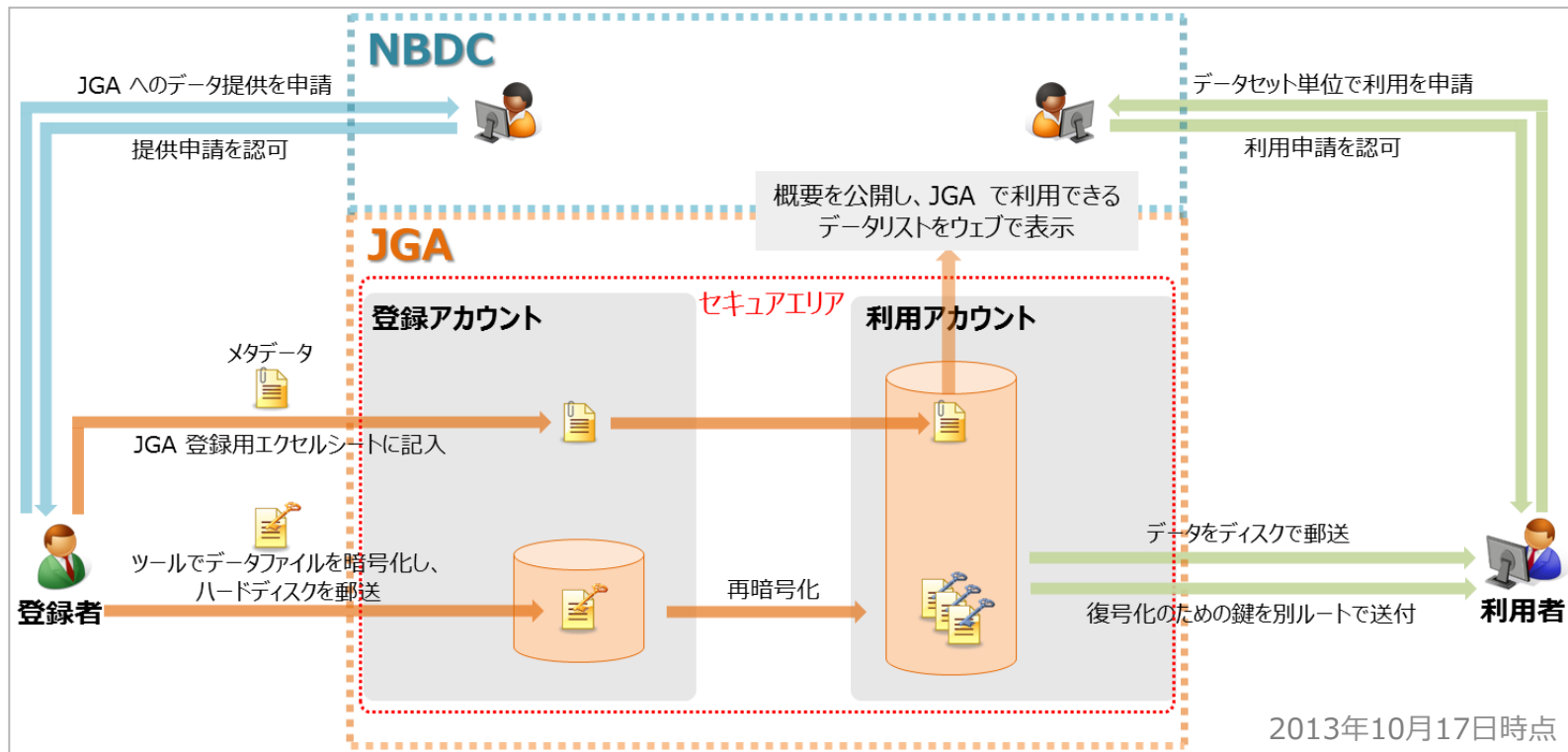
Japanese Genotype-phenotype Archive



The screenshot shows the homepage of the Japanese Genotype-phenotype Archive (JGA). At the top left is the DDBJ logo. To the right are navigation links for 'Login & Submit', 'Databases', 'English', and 'Contact'. Below these is a search bar with the text 'Google カスタム検索' and a magnifying glass icon. A secondary navigation bar contains 'Home', 'Studies', and 'Submission' buttons. The main content area is divided into two columns. The left column has a '概要' (Overview) section with a paragraph of Japanese text explaining the archive's purpose and data access policies. Below this is a 'データの利用' (Data Usage) section with another paragraph. The right column has a 'データ登録/利用を申請' (Apply for Data Registration/Usage) section with a link to the 'National Bioscience Database Center'.

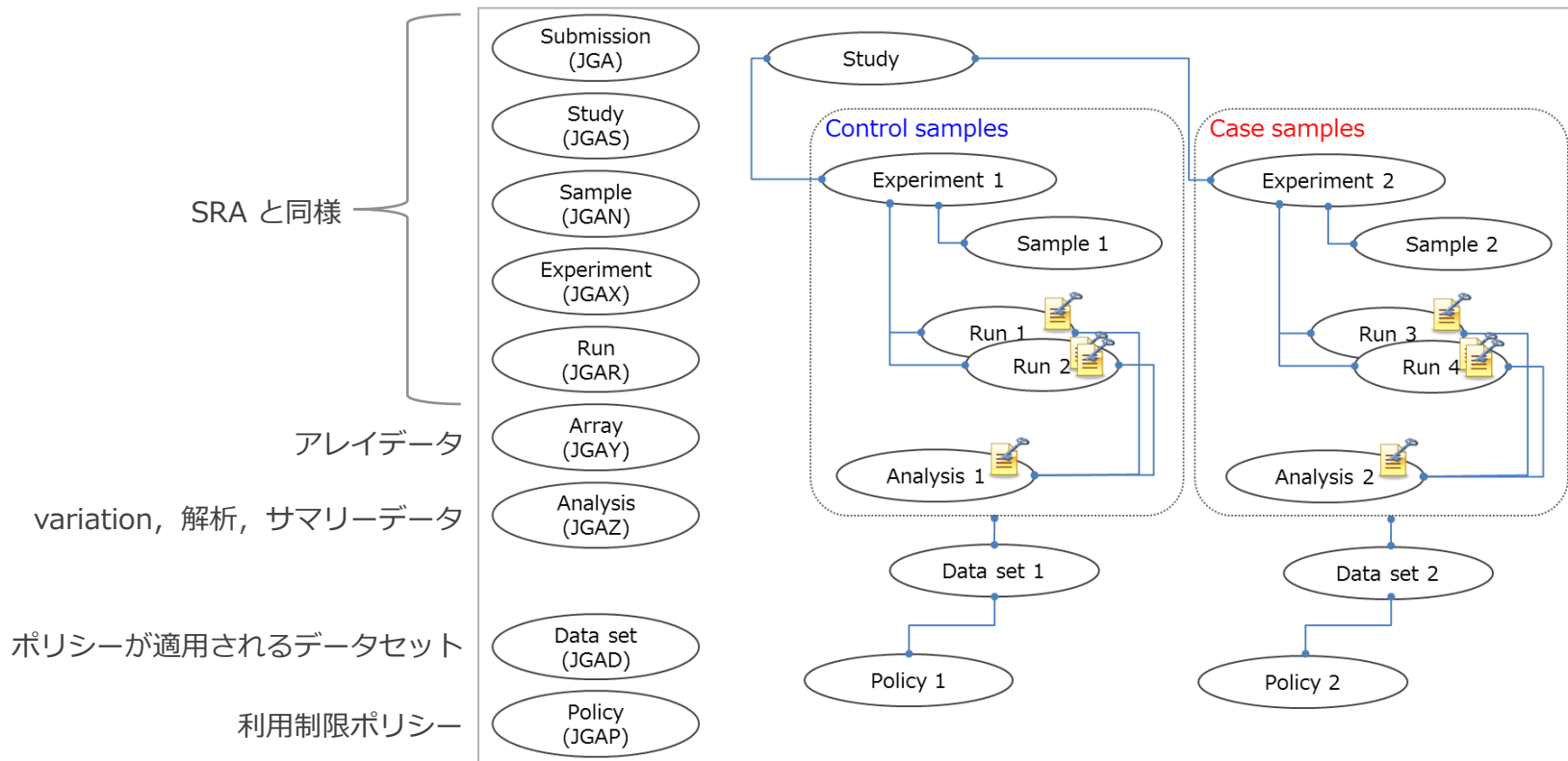
- ✓ アクセス制限が必要な個人レベルの
新世代シーケンスデータ・アレイデータなどを受入・保管・提供
- ✓ JGA が対象としていないデータは科学技術振興機構 (JST)
National Bioscience Database Center (NBDC) ヒトデータベースが受入
- ✓ 匿名化されたメタデータのみ受付

<http://trace.ddbj.nig.ac.jp/jga/index.html>



- ✓ JST-NBDC がヒトデータの共有・取扱いに関するガイドラインを作成
- ✓ JGA データの登録と利用は NBDC に申請し、承認される必要がある

NBDC: <http://humandbs.biosciencedbc.jp/>



Control と Case サンプルのデータセットに異なるポリシーが適用されている場合

- ✓ SRA モデルに Array、Data set、Policy を追加
- ✓ Policy にアクセス制限事項を記載
- ✓ JGA で始まるアクセッション番号を発行

拡大する一次データベースの役割

Sequence Read Archive

次世代シーケンサから出力される生データとアライメントデータをアーカイブしています。

Trace Archive

シングルバスリードの sequence chromatograms (traces), base calls, quality estimates をアーカイブしています。

Nucleotide Sequence Database

アノテーションが付加された塩基配列データをアーカイブしています。

Omics Archive

MIAME と MINSEQE ガイドラインに準拠した functional genomics data をアーカイブしています。

BioProject

研究プロジェクトを格納し、複数のアーカイブに登録されたデータをプロジェクト単位でまとめます。

BioSample

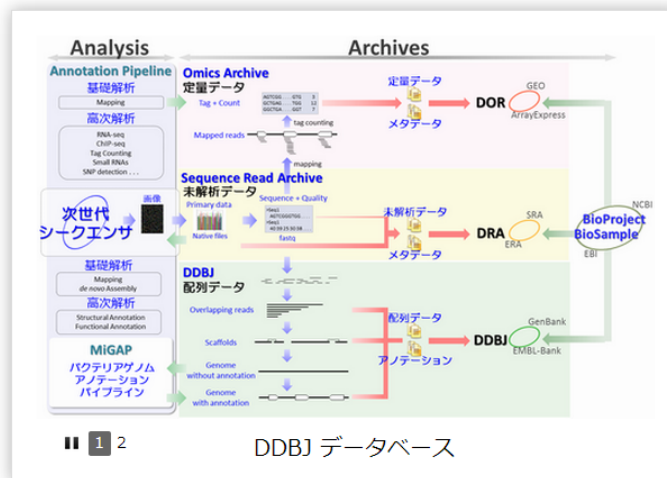
データを得るために使われた生物学的なサンプル情報を集中管理するデータベースです。

Japanese Genotype-phenotype Archive

個人を特定される可能性のある遺伝学的なデータと表現型情報を保存し、提供しています。データが収集された個人との同意に基づく協定により、データ利用は特定の研究目的に制限されています。

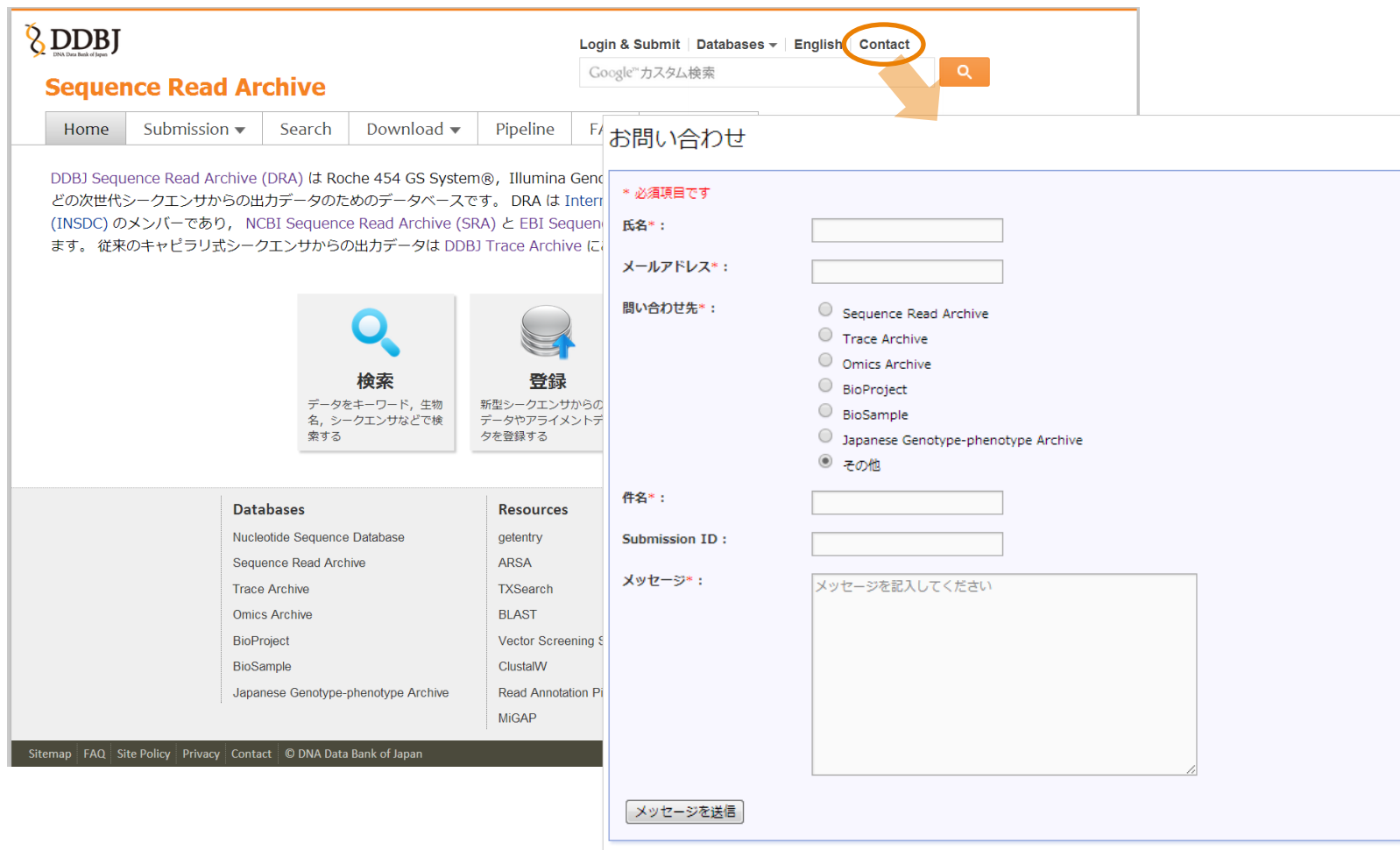
Read Annotation Pipeline

次世代シーケンスタデータを解析するためのクラウドタイプのパイプラインです。



✓ ご登録は計画的に！

<http://trace.ddbj.nig.ac.jp/index.html>



The screenshot shows the DDBJ Sequence Read Archive website. At the top right, the 'Contact' link is circled in orange with an arrow pointing to the contact form overlay. The form is titled 'お問い合わせ' and contains the following fields:

- * 必須項目です** (Required items):
- 氏名*** (Name): [Text input field]
- メールアドレス*** (Email address): [Text input field]
- 問い合わせ先*** (Contact point):
 - Sequence Read Archive
 - Trace Archive
 - Omics Archive
 - BioProject
 - BioSample
 - Japanese Genotype-phenotype Archive
 - その他 (Others)
- 件名*** (Subject): [Text input field]
- Submission ID**: [Text input field]
- メッセージ*** (Message): [Text area with placeholder 'メッセージを記入してください']
- メッセージを送信** (Send message button)

The background website shows the 'Sequence Read Archive' header, a search bar, and navigation tabs for Home, Submission, Search, Download, Pipeline, and FAQs. Below the header, there are sections for '検索' (Search) and '登録' (Registration), and a 'Databases' and 'Resources' sidebar.

✓ 登録について問い合わせる場合には ID をお知らせください

<http://trace.ddbj.nig.ac.jp/contact.html>